

Communication présentée à la conférence AgrinumA (28-30 avril 2019, Dakar, Sénégal, <https://umr-tetis.fr/index.php/fr/accueil-symposium>)

Titre : Prédiction de la valeur génétique clonale chez le palmier à huile à partir de données génomiques haute densité et du modèle linéaire mixte

Auteurs : Nyouma Achille¹, Jacob Florence², Riou Virginie³, Mournet Pierre³, Virginie Pomiès³, Leifi Nodichao⁴, Zulkifli Lubis⁵, Benoit Cochard², Tristan Durand-Gasselin², Joseph M. Bell¹, David Cros^{1,3}

1 Université de Yaoundé 1, Cameroun, 2 PalmElit SAS, Montferrier sur Lez, France, 3 CIRAD, UMR AGAP, Montpellier, France, 4 INRAB, CRA-PP, Pobè, Bénin, 5 P.T. SOCFINDO Medan, Medan, Indonésie

Conférence : AgrinumA (Agriculture Numérique en Afrique), 28-30 avril 2019, Dakar, Sénégal, <https://umr-tetis.fr/index.php/fr/accueil-symposium>

Résumé :

La prédiction de la valeur génétique clonale est l'une des limites actuelles à l'amélioration génétique du rendement chez palmier à huile. Elle se base uniquement sur la valeur propre des candidats têtes de clones, souvent peu précise compte tenu de la faible héritabilité de certaines composantes du rendement. La présente étude a évalué la possibilité de prédire la valeur génétique des hybrides têtes de clones avec des données génomiques haute densité. Le génotypage par séquençage a révélé 15055 marqueurs de type polymorphisme à un nucléotide (SNP). Les précisions de deux approches de sélection génomique (SG) ont été évaluées sur huit composantes du rendement. La population de calibration était de 295 et 279 croisements DELI x LM pour les composantes de production et de qualité des régimes, respectivement, et la population de validation comportait 42 clones DELI x LM. L'effet de la densité de marquage et de la modélisation de l'origine parentale des allèles ont été évalués sur la précision. Le test de Hottelling-Williams a permis d'effectuer des comparaisons de précisions entre méthodes de prédiction. Les résultats ont montré une gamme de précisions allant de 0,65 à -0,11 en fonction du caractère et de la densité de marquage. Pour la plupart des caractères, la précision a augmenté avec le nombre de SNPs, jusqu'à atteindre un plateau à environ 7000 SNPs. La précision de SG était en général supérieure à la précision du modèle témoin utilisant le pédigrée au lieu des SNPs, montrant la capacité des données génomiques à prédire les valeurs génétiques d'individus non observés au champ. La SG peut être appliquée pour présélectionner des candidats têtes clones avant évaluation en champ, permettant d'augmenter l'intensité de sélection et donc le progrès génétique.